

ENTENDIENDO LA BIODIVERSIDAD

Elena Pérez-Urriá Carril

Profesor Contratado Doctor. Facultad de Biología, Departamento de Biología Vegetal
I. Universidad Complutense de Madrid. elenapuc@bio.ucm.es

El objetivo de establecer una clasificación natural de especies basada en sus relaciones filogenéticas se alcanza comparando algunas de sus características o atributos. Por ello, los métodos y técnicas utilizados para el estudio de la diversidad de especies son una aplicación del método comparado.

Los caracteres son rasgos que presentan las entidades biológicas, desde las moléculas hasta los ecosistemas, los cuales son recogidos por las ciencias descriptivas de todos los niveles de integración (genética, bioquímica, anatomía, morfología).

En un contexto matemático, los caracteres pueden ser de variación discontinua (caracteres discretos, cualitativos, absolutos como presencia/ausencia) o de variación continua (son los caracteres cuantitativos que comúnmente se refieren a dimensiones y cuya distribución en la población o en la especie se suele ajustar a una curva de Gauss), pudiendo convertir los continuos en discretos mediante el establecimiento de clases (por ejemplo, la edad: un carácter continuo que puede convertirse en discreto estableciendo clases de edad, de 10 a 20 años, de 20 a 30, etc.).

En el contexto biológico los caracteres sirven a la taxonomía siendo su acepción más clásica aquella que los define como rasgos que diferencian unas especies de otras. Estos caracteres han de ser susceptibles de ser comparados, homólogos y constantes, y pueden ser de muchos tipos: morfológicos, etológicos, fisiológicos, bioquímicos, geográficos, autoecológicos o moleculares, por ejemplo. El uso de estos últimos en Biología Sistemática representa un importante nexo entre Biología Molecular y Celular y Biología de Organismos y Sistemas.

Caracteres homólogos son estructuras o rasgos que tienen el mismo origen. La homología puede definirse como una comunidad de origen de rasgos. Estamos tratando el estudio de la diversidad biológica que se genera por evolución, y entre las estirpes que constituyen esa diversidad existen diferencias y semejanzas. Nuestra atención se dirige a la semejanza.

Los caracteres morfológicos homólogos normalmente son muy semejantes a lo largo de la evolución de las estirpes emparentadas. Como ejemplo sirva la composición de la mano de todos los tetrápodos o la anatomía de las extremidades de los mamíferos, estructuras homólogas con distintas morfologías según sus diferentes funciones debidas a sus distintos modos de vida (terrestre, acuático, aéreo). Este último ejemplo sirve para intuir que la semejanza se debe a la posesión de un ancestro común. Con ello introducimos un nuevo término, *ancestría*.

La mayor parte de las moléculas que conforman los seres vivos se "inventan" pronto de manera que es posible seguir la evolución de moléculas homólogas desde los tiempos más remotos. Es el caso de la actina y la miosina, presentes en arqueobacterias, eubacterias y eucariontes. Estas proteínas (y los genes que las codifican) divergen a lo largo de la evolución entre unas estirpes y otras, resultando más semejantes entre sí las de cada grupo natural. De manera que también existe homología en el nivel molecular: dos genes o dos proteínas serán homólogas para un conjunto de estirpes si poseen el mismo origen, y comúnmente serán

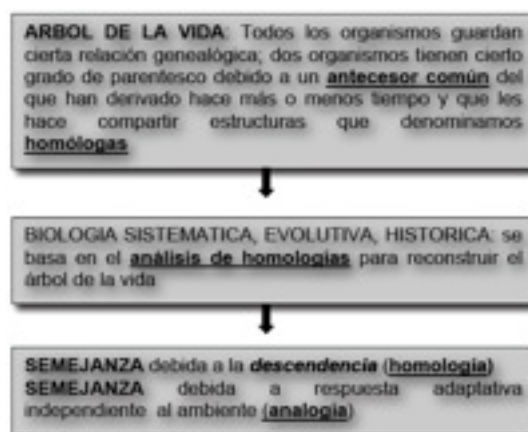
más semejantes cuanto más cercano sea el parentesco entre esas estirpes. En el nivel molecular, deben hacerse dos precisiones para la homología: caracteres homólogos "ortólogos" y "parálogos", consecuencia de la duplicación de genes.

Pero no siempre la semejanza se debe a homología: puede deberse a analogía u homoplasia (construcción semejante). Analogía es la condición de semejanza presentada por estirpes no inmediatamente emparentadas pero con un modo de vida parecido. En consecuencia se definen caracteres análogos como aquéllos que tienen la misma función pero origen distinto, habiendo diferentes tipos de analogía: convergencia, paralelismo o reversión al estado ancestral.

Podemos incorporar a nuestro pensamiento evolutivo la idea de que las estirpes más estrechamente emparentadas son las que comparten mayor número de caracteres y con ello introducimos un nuevo concepto, "cantidad de semejanza". Pero la cuestión de la analogía, que es un problema para la reconstrucción de la filogenia, conduce a un nuevo planteamiento: la necesidad de considerar no sólo la cantidad sino también la "calidad" de la semejanza. Por tanto, habrá que determinar homología (debe tratarse de la misma estructura fundamental, de una misma posición respecto a una referencia y el mismo patrón de desarrollo embrionario, cuando se trate de caracteres morfológicos; proteínas sintetizadas por el mismo gen en un grupo de estirpes, etc.) y detectar homoplasias.

Se debe diferenciar entre homologías ancestrales y derivadas para llegar a la conclusión de que sólo las derivadas son indicadores fiables de parentesco inmediato. Por el momento podemos intuir para el término "derivado" el significado de "reciente" y considerar que las homologías ancestrales se denominan "simplesiomorfias" y las derivadas "sinapomorfias" en términos cladistas. Para distinguir entre ambas se establece de varias formas la polaridad de los caracteres.

Respecto a los procedimientos para reconstruir la filogenia de las estirpes, éstos se enmarcan dentro de lo que denominamos escuelas sistemáticas: Escuela Evolutiva (Escuela de la Nueva Sistemática o Escuela de Simpson – Mayr), Escuela de la Taxonomía Numérica



ca (Escuela del Feneticismo Numérico) y Escuela Cla

disto. El esquema previo muestra el planteamiento inicial para iniciar la reconstrucción de la filogenia.

En todos los campos del saber, los pensamientos y las teorías tienen su historia. La historia de la Biología presenta una etapa en el siglo XVIII en la que se desarrolla el llamado "empirismo" cuyos protagonistas, los sistemáticos Jussieu (1699-1777), Bufon (1707-1788), Adanson (1727-1806) y De Candolle (1778-1841), defendían que los grupos de estirpes "existen realmente en la naturaleza" y sólo hay que reconocerlos. A ellos se debe el concepto de "homología", verdadera piedra angular de la Biología Comparada.

La escuela de la Nueva Sistemática es, en realidad, una extensión del "empirismo" (los grupos se reconocen) pero aportando una explicación evolutiva de manera que su planteamiento es "descubrir los grupos que ha hecho la evolución". Su método consiste en analizar comparativamente los caracteres homólogos y positivos, evaluar la cantidad de semejanza entre los grupos y, sobre esa base, establecer la jerarquía de los grupos. El problema de evaluar la cantidad de semejanza se resolverá siguiendo el "olfato" del investigador, lo que hace de la Sistemática un arte más que una ciencia, en palabras de sus detractores. Sin embargo, consideran que la clasificación biológica a la que conduce la reconstrucción filogenética, debe ser entendida como una teoría científica (una hipótesis de parentesco entre estirpes) y, por lo tanto, susceptible de revisión, mejora y cambios en base a nuevos datos.

La Escuela de la Taxonomía Numérica intenta paliar el elemento subjetivo que acabamos de comentar formalizando los procedimientos mediante la aplicación de los algoritmos de análisis multivariante. En efecto, el ordenador hace el cálculo de semejanzas promedio y obtiene la clasificación, pero no puede trabajar con todo tipo de datos o caracteres. Sus procedimientos asumen un modelo de evolución gradual y una tasa evolutiva constante lo que no se corresponde con la realidad (hay grupos con una alta tasa evolutiva y por tanto muy modificados respecto a sus ancestros). Aplican criterios matemáticos utilizando algoritmos de análisis estadístico y se denominan, en términos generales, procedimientos de "distancias". Son de aplicación para el estudio de caracteres moleculares.

La Escuela Cladista (o de la Sistemática Filogenética) creada por W. Hennig (1913-1976) en la década de 1950 plantea otra manera de realizar la reconstrucción filogenética basada en la "calidad de la semejanza" y no en la cantidad de semejanza. Según esto, el paren-

tesco inmediato no se deduce del hecho de compartir muchos caracteres (cantidad) sino de compartir alguno(s) que, además de homólogo(s), sea(n) sinapomórfico(s) (condición de calidad), es decir, exclusivo de los miembros de un grupo y de su ancestro común inmediato (en el que apareció por primera vez el carácter). Estas sinapomorfías definen a los grupos. Por otra parte, se considera que las especies y los grupos mayores existen en la naturaleza como resultado de la evolución y se atribuye a la especie un papel protagonista como realidad evolutiva. Aporta un enorme poder analítico y precisa términos usuales de la teoría evolutiva que por razones didácticas se estudiarán en este tema: monofilia, parafilia, polifilia, grupos hermanos y estados de los caracteres.

El cladismo introduce un nuevo concepto: "estados de los caracteres". Ya antes se ha mencionado que los caracteres pueden ser derivados (avanzados) o ancestrales (primitivos). Ahora se habla de caracteres "plesiomórficos" y "apomórficos" que, lejos de ser conceptos absolutos, se refieren siempre a un antecesor inmediato en un grupo determinado (relativos a un nodo). La terminología cladista incluye otros nuevos términos como "clado" para referirnos a un grupo y "cladograma" para referirnos al gráfico de ramificaciones dicotómicas (un árbol) que muestra las relaciones de parentesco. La condición de compartir un carácter plesiomórfico (debido a ancestros remotos) es un "simplesiomorfía" y los caracteres simplesiomórficos no garantizan la monofilia de un grupo, indican un ancestro común pero no inmediato y exclusivo. La condición de compartir un carácter apomórfico (una novedad evolutiva en el ancestro inmediato de un grupo en estudio) se denomina "sinapomorfía" y son los caracteres sinapomórficos los únicos que garantizan la monofilia de un grupo. El cladismo también precisa el concepto de semejanza: ésta puede ser debida a la posesión de rasgos homólogos o a homoplasia, pero aclara que, para cada nodo del cladograma, existen dos tipos de homología: la que se debe a ancestros remotos ("homología simplesiomórfica") y la que se debe a ancestro inmediato ("homología sinapomórfica").

El cladismo ha ganado la batalla de la Sistemática. Su práctica conduce a una clasificación natural en la que los grupos menores se incluyen en grupos sucesivamente mayores, una relación de grupos hermanos que deben poseer el mismo rango taxonómico. El cladismo aporta hipótesis evolutivas.

Lecturas recomendadas para saber más:

- Felsenstein J. PHYLIP. Phylogeny Inference Package. Universidad de Washington. Seattle, 1986-1995.
- Mayr E. Así es la Biología. Debate. Madrid, 1998
- Mayr E. What evolution is. Weidenfeld y Nicolson. Londres, 2001.
- Skelton P, Smith A. Cladistic: a Practical primer on CD-ROM. Cambridge University Press, 2002.
- Soler M (ed.). Evolución. La Base de la Biología. Proyecto Sur de Ediciones, S.L. Granada, 2002.